

Process for the evaluation of cell pictures

Patent number: DE3836716
Publication date: 1990-05-03
Inventor: KETTLER ALBRECHT DR (DE)
Applicant: ZEISS CARL FA (DE)
Classification:
 - international: **G01N15/14; G01N15/14;** (IPC1-7): G01N33/483; G06F15/70
 - european: G01N15/14H
Application number: DE19883836716 19881028
Priority number(s): DE19883836716 19881028

Also published as:

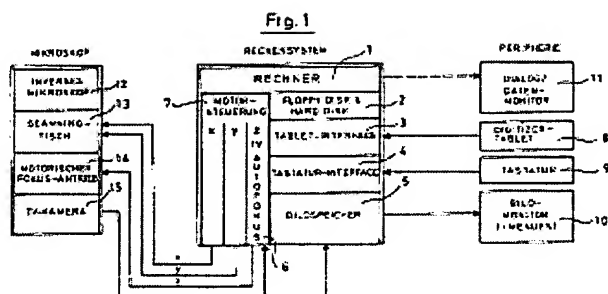
 EP0365928 (A2)
 US5031099 (A1)
 JP2171866 (A)
 EP0365928 (A3)
 EP0365928 (B1)

Report a data error here

Abstract not available for DE3836716

Abstract of corresponding document: **US5031099**

A process and apparatus for evaluating pictures of cell cultures uses a computer-aided, observer-interactive system which records and reviews a chronological series of video pictures. The pictures are taken sequentially in each of a plurality of cell culture picture fields which border each other, each such field encompassing a different area of the specimen. Each successive chronological picture is displayed on a monitor where it is reviewed by an observer who uses a digitizing pad to apply distinguishing marks to individual cells and/or cell groups. Picture-memory-an-analysis software is used to facilitate the marking process so that observer work effort and time are remarkably reduced. Stored information relating to the position and number of the distinguishing marks applied to each chronological picture is used to generate statistical graphs and data concerning the division rate of individual cell groups, the mobility of cells, cell pedigrees, and similar matters.



Data supplied from the **esp@cenet** database - Worldwide



DEUTSCHES
PATENTAMT

②1 Aktenzeichen: P 38 36 716.5
②2 Anmeldetag: 28. 10. 88
④3 Offenlegungstag: 3. 5. 90

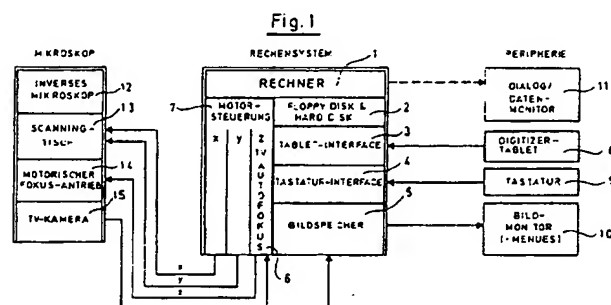
DE 3836716 A1

⑦1 Anmelder:
Fa. Carl Zeiss, 7920 Heidenheim, DE

⑦2 Erfinder:
Kettler, Albrecht, Dr., 7080 Aalen, DE

⑤4 Verfahren zur Auswertung von Zellbildern

Mit diesem interaktiven Verfahren werden jeweils parallel eine Vielzahl verschiedener, aneinanderangrenzender Bildfelder einer Zellkultur in zeitlicher Folge mehrfach aufgenommen und als Digitalbilder gespeichert. Anschließend werden die zeitlich aufeinanderfolgenden Digitalbilder eines Bildfeldes nacheinander auf dem Bildschirm dargestellt und die Zellen im Bildfeld markiert, wobei für verschiedene Zelltypen und Zellgenerationen unterschiedliche Marken vorgesehen sind. Aus der gespeicherten Anzahl und den Positionen der Marken werden anschließend statistische Kenngrößen ermittelt, die für die Zellen in den Bildfeldern bzw. der Zellkultur charakteristisch sind.



DE 3836716 A1

Das Auswerten von Bildern von Zellkulturen gewinnt in der Forschung und bei Routineuntersuchungen immer mehr an Bedeutung. Neben der Erforschung des Zellwachstums von Primärkulturen (z.B. Tumorstadium) wird hauptsächlich der Einfluß von Fremdeinwirkungen auf das Wachstums- und Bewegungsverhalten untersucht. Beispiele sind Toxizitäts- und Mutagenitätstests, die Prüfung von Implantat-Materialien auf Verträglichkeit mit dem Organismus, und die Wirkungen von Pharmazeutika. Untersuchungen an Zellkulturen werden insbesondere unter dem Aspekt vorgenommen, Toxizitätstest an höheren Organismen, d.h. Versuchstieren entbehrlich zu machen.

Um für die beschriebenen Anwendungsfälle statistisch relevante Aussagen treffen zu können, ist einerseits die Untersuchung einer großen Zahl von Zellen notwendig, andererseits ist es z.B. für Mutagenitätsuntersuchungen sowie für die Analyse des Bewegungsverhaltens von Zellen notwendig, das exakte "Schicksal" jeder Einzelzelle zu ermitteln.

Ein rein visuelles Verfolgen einzelner Zellen ist wegen der großen Anzahl mit einem immensen Arbeitsaufwand verbunden.

Es ist zwar bekannt, vor allem für Routineaufgaben rechnergestützte Verfahren einzusetzen, mit denen z.B. einfach die Anzahl der Zellen in einem bestimmten Bildfeld festgestellt bzw. ausgezählt wird. Hierfür sind bei geringen Anforderungen an die Auswertegenauigkeit auch vollautomatisch arbeitende Bildanalysesysteme verwendet. Solche Systeme sind jedoch für anspruchsvollere Aufgabenstellungen, wenn beispielsweise das Bewegungsverhalten einer Zelle analysiert oder Zellstammbäume analysiert werden sollen, nicht geeignet. Für die letztgenannten Anwendungsfälle sind interaktive rechnergestützte Systeme besser geeignet.

Eine Zusammenstellung möglicher interaktiver und automatischer Verfahren zur Bewegungsanalyse von Zellkulturen ist beispielsweise in dem von P.B. Noble and M.D. Levine herausgegebenen Buch "Computer-Assisted Analyses of Cell Locomotion and Chemotaxis", CRC Press, Inc. Boca Raton, Florida beschrieben.

Mit den dort beschriebenen, bekannten Verfahren wird jedoch nur das Bewegungsverhalten und zwar von wenigen ausgewählten Zellen erfaßt und ausgewertet. Aussagen über die Entwicklungsgeschichte von Zellen wie z.B. die Zellteilungsrate bzw. die Zahl der verschiedenen Generationenfolgen einer für statistische Zwecke erforderlichen großen Anzahl von Zellen lassen sich mit dem bekannten Verfahren nicht gewinnen.

Es ist die Aufgabe der vorliegenden Erfindung, ein Verfahren anzugeben, mit dem gerade die letztgenannten Informationen bei möglichst geringem Arbeitsaufwand ermittelt werden können.

Diese Aufgabe wird durch die im Kennzeichen des Anspruches angegebenen Maßnahmen gelöst.

Mit dem erfindungsgemäßen System werden zeitliche Sequenzen der Entwicklungsgeschichte von Zellkulturen in einer Vielzahl verschiedener Bildfelder parallel aufgezeichnet. Demzufolge werden die für eine statistische Auswertung erforderlichen Daten in genügend großer Anzahl aufgenommen und liegen dann bei der Auswertung vor.

Da anschließend bei der Markierung von Zellen im Digitalbild auf dem Bildschirm jeweils mehrere Zellen gleichzeitig abgearbeitet werden, wird in dieser Phase des interaktiven Arbeitsprozesses eine erhebliche Ar-

beitsersparnis erzielt. Zudem bieten sich hier sinnvolle Ansätze zur Teilautomatisierung, denn die auszuwertenden Zellen brauchen nur im jeweils ersten Teilbild der zeitlichen Folge vom Benutzer markiert zu werden. In allen folgenden Bildern können die Positionen der Zellmarken vom Vorbild übernommen werden und es müssen dann nur noch die auftretenden Veränderungen in diesen Bildern vom Benutzer korrigiert werden. Solche Veränderungen sind z.B. Verschiebungen von Zellen, Zellteilung oder Absterben von Zellen, das Einwandern oder Auswandern von einzelnen Zellen aus dem ausgewählten Bildfeld.

Da die statistischen Kenngrößen für die verschiedenen Bildfelder bzw. die verschiedenen markierten Zellen getrennt ermittelt und abgespeichert werden, sind die Ergebnisse des Verfahrens besonders aussagekräftig. Denn auf diese Weise ist es möglich, den verfälschenden Einfluß von toten Zellen oder Zellen, die in das Bildfeld hineingewandert oder hinausgewandert sind, auf das Ergebnis zu eliminieren.

Die statistischen Kenngrößen können beispielsweise die Zellteilungsrate für einzelne Gruppen von Zellen, die Beweglichkeit der verschiedenen Zellen oder die maximale Anzahl von Generationenfolgen bis zum Absterben der Zellkultur sein.

Das Verfahren erlaubt es weiterhin, Zellstammbäume für einzelne Zellen zu bilden und auf dem Bildschirm darzustellen.

Damit die Positionen der Marken eines zeitlich folgenden Bildes der Zellkultur mit den Positionen im Vorbild möglichst gut übereinstimmt, ist es vorteilhaft die Bilder auf dem Schirm so zueinander zu justieren, daß Bildverschiebungen oder eine gemeinsame Bewegung der gesamten Zellkultur möglichst nicht in Erscheinung tritt. Die wird mit einem Verfahrensschritt erreicht, in dem die beiden aufeinanderfolgenden Bilder so zueinander justiert werden, daß die Summe der Abweichungen der Zellpositionen in beiden Bildern minimal ist. Hierzu eignen sich besonders Bildanalysesysteme, mit denen die Schwerpunkte der Zellen in den einzelnen Bildern automatisch bestimmt werden.

Weitere Vorteile der Erfindung ergeben sich aus der nachfolgenden Beschreibung von Ausführungsbeispielen anhand der Fig. 1 bis 10 der Zeichnungen.

Fig. 1 ist ein Blockdiagramm, das die einzelnen Komponenten eines zur Durchführung des Verfahrens geeigneten Arbeitsplatzes sowie die Verbindung der Komponenten untereinander darstellt;

Fig. 2 bis 7 sind Skizzen, die den Bildschirminhalt mit den aufgenommenen Zellbildern in verschiedenen Stadien des Verfahrens wiedergeben;

Fig. 8 ist ein Diagramm, in dem als Ergebnis des Verfahrens die Entwicklung der Zellzahlen für drei verschiedene Zellkulturen über der Zeit dargestellt ist;

Fig. 9a und 9b sind beispielhafte Darstellungen der Stammbäume von ausgewählten Zellen;

Fig. 10a und 10b sind Diagramme, in denen die Zykluszeit sowie der Mitoseindex für die Zellen eines Bildfeldes über die Zeit dargestellt ist.

Der in Fig. 1 im Blockschaftbild dargestellte Arbeitsplatz zur Durchführung des erfindungsgemäßen Verfahrens gliedert sich in drei Bereiche: In das eigentliche Mikroskop, in das an das Mikroskop angeschlossene Rechnersystem sowie in die Peripheriegeräte, die den interaktiven Betrieb mit dem Benutzer ermöglichen.

Als Mikroskop ist ein herkömmliches inverses Mikroskop (12) mit einem in zwei Koordinaten beweglichen Scanningtisch (13) gewählt. Das Mikroskop ist mit ei-

nem motorischen Fokusantrieb (14) ausgerüstet und besitzt an einem Bildausgang eine TV-Kamera (15). Der Scanningtisch (13) dient dazu, die zu untersuchenden Zellkulturen über dem Objektiv des Mikroskops zu positionieren. Er besitzt einen extra großen Fahrbereich, damit eine Vielzahl von Probengefäßen gleichzeitig aufgenommen und nacheinander abgearbeitet werden kann. Ein zur Durchführung des Verfahrens geeignetes Mikroskop wird beispielsweise unter der Bezeichnung "Axiovert" von der Anmelderin vertrieben.

Der Rechner (1) kann beispielsweise ein Personal-Computer vom Typ IBM PC/AT sein, der standardmäßig mit einem Massenspeicher (2) in Form eines Diskettenlaufwerks und einem Festplattenlaufwerk ausgerüstet ist. Der Rechner (1) besitzt außerdem ein Tabletteninterface (3) zum Anschluß des Digitisiertabletts (8) sowie ein Tastaturinterface (4), an das die Eingabetastatur (9) angeschlossen ist.

Außerdem ist der Rechner (1) mit einem Bildspeicher (5) versehen. Dieser Bildspeicher enthält gleichzeitig die nötigen Bausteine zur Digitalisierung des von der Kamera (15) abgenommenen Bildes und zusätzliche Bildverarbeitungshardware. Als Bildspeicher kann beispielsweise der von der Fa. Matrox unter der Typbezeichnung MVP-AT angebotene Baustein verwendet werden. An den Bildspeicher (5) ist ein Monitor (10) angeschlossen, auf dem die Zellbilder dargestellt und die vom Rechner (1) für den Dialog mit dem Benutzer erzeugte Graphik überlagert werden kann. Für letztere Funktion kann jedoch auch wie durch den gestrichelten Pfeil angedeutet ein separater Datendialogmonitor (11) wie beispielsweise der ohnehin vorhandene Bildschirm des Rechners (13) eingesetzt werden.

In den Rechner (1) ist außerdem die Motorsteuerung (7) integriert, von der die Antriebsmotoren des Scanningtisches (13) und der Antriebsmotor für den Fokusantrieb (14) des Mikroskops gesteuert werden. Teil der Motorsteuerung ist weiterhin eine Autofokuseinrichtung (6), der das Signal der Kamera (15) zugeführt ist und die den Fokusantrieb (Z) in Richtung auf maximalen Bildkontrast bewegt.

Zur Durchführung des erfindungsgemäßen Verfahrens werden die auf dem Scanningtisch (13) positionierten Zellkulturen in regelmäßigen zeitlichen Abständen von beispielsweise zwei Stunden unter dem Mikroskop durchgemustert und mit der TV-Kamera (15) Bilder aus aneinander angrenzenden Bildfeldern jeder Kultur aufgenommen und an den Bildspeicher (5) übergeben. Die digitalisierten Bilder werden hierbei nach Bildfeldern getrennt auf der Festplatte des Massenspeichers (2) abgelegt. Von dort sind nach Abschluß aller Bildaufnahmesequenzen die Zellbilder in jedem Bildfeld für die verschiedenen Beobachtungszeiten abrufbar.

Die Auswertung der Zellbildsequenzen erfolgt interaktiv. Hierzu werden die Zellbilder auf dem Monitor (10) dargestellt. Gleichzeitig werden die Zellen im Bild vom Benutzer mittels einer auf dem Bildschirm (10) positionierbaren Cursor-Marke markiert, deren Bewegung mit Hilfe des Digitisiertabletts (8) gesteuert wird. Nachfolgend wird der interaktive Auswertevorgang detaillierter anhand der Fig. 2–7 beschrieben, in denen die Bildsequenz eines willkürlich ausgewählten Bildfeldes beispielhaft dargestellt ist:

Im ersten Bild der Sequenz (Fig. 2) werden die einzelnen Zellen alle markiert. Hierbei sorgt eine entsprechende Software dafür, daß vom Benutzer für verschiedene Gruppen von Zellen unterschiedliche Markensymbole gesetzt werden können. Die verschiedenen Zell-

gruppierungen sind in Fig. 2 mit (20, 21, 22 und 23) bezeichnet.

Das in Fig. 3 dargestellte, nächste Bild der Sequenz wird zuerst lagemäßig gegenüber dem Vorbild (Fig. 2) justiert. Hierbei führt der Rechner (1) eine Echtzeit-Subtraktion der zu bestimmten Bildpixeln gehörenden Signale beider Bilder durch und korrigiert dabei ein durch Driften der Apparatur bedingtes Verschieben der Schwerpunkte der Zellen. Die in Fig. 2 bereits gesetzten Zellmarken werden in das neue Bild (Fig. 3) übernommen. Der Benutzer muß deshalb nur noch die auftretenden Veränderungen korrigieren. Dies sind einmal Bewegungen einzelner Zellen, Zellteilung und Absterben, sowie das Auswandern und Einwandern von Zellen aus bzw. in das Bildfeld.

In Fig. 3 sind beispielsweise gegenüber Fig. 2 an den mit (20a und 20b) bezeichneten Stellen der Zellgruppe (20) sowie an der mit (21a) bezeichneten Stelle in der Zellgruppe (21) Teilungen erfolgt. Die Tochterzellen werden hier mit einer anderen Marke versehen. Diese können über die Farbe unterschieden werden. In der Darstellung nach Fig. 3 ist hingegen zur besseren Sichtbarkeit ein Doppelsymbol gewählt, nämlich das Quadrat mit dem diagonalen Kreuz für die Tochterzellen der ersten Generation in der Zellgruppe (20) und das mit einem Kreis versehene Kreuz für die Tochterzellen der Zellgruppe (21).

Auf die gleiche Weise werden in den nachfolgenden Bildern (vergl. Fig. 4–7) weitere Zellteilungen durch den Benutzer festgestellt und die Tochterzellen mit den entsprechenden Markierungen bezeichnet. Zu dem in Fig. 7 dargestellten Zeitpunkt haben sich schließlich sieben Zellen der Zellgruppe (20) (siehe Pfeile 20a–20e), vier Zellen der Zellgruppe (21) (Pfeile 21a–d), vier Zellen der Zellgruppe (22) (22a–22d) und zwei Zellen der Zellgruppe (23) (23a und 23b) geteilt und es ist die entsprechend doppelte Anzahl von Tochterzellen der ersten Generation entstanden.

In der Regel werden sich auch diese Tochterzellen wieder mehrfach teilen. Dann sind für diese nächste Generation vom Benutzer wieder andere Marken zu vergeben. Der weitere Fortgang des Verfahrens soll hier nicht mit zusätzlichen Figuren illustriert werden.

Die beschriebene inkrementelle Arbeitsweise, bei der jeweils nur Veränderungen gegenüber dem Vorbild eingetragen werden müssen, bringt erhebliche Arbeitersparnis bei der interaktiven Auswertung der Zellbilder mit sich. Außerdem läßt sich diese Verfahrensvariante leicht weiter dadurch automatisieren, daß beispielsweise mit den bekannten Mitteln der Bildanalyse von einem entsprechenden Prozessor jedes neue Bild einer Folge unter Berücksichtigung der Kenntnisse des vorausgegangenen Bildes auf Zellteilung, Zellauswanderung etc. untersucht wird und die Ergebnisse bereits eingetragen werden, d.h. die entsprechenden neuen Marken bereits durch die Bildanalyseeinrichtung eingetragen werden. Der Benutzer hat dann nur noch die Aufgabe korrigierend einzugreifen und das bildanalytisch ermittelte Ergebnis im Bedarfsfalle zu berichtigen.

Der Rechner (1) speichert die Anzahl und die Positionen aller verschiedener, in den Bildern einer Sequenz gespeicherten Markentypen. Aus diesen gespeicherten Informationen werden anschließend Aussagen über die beobachtete Zellkultur nach verschiedenen Kriterien abgeleitet.

Eine Art der Auswertung, die sich an eine Ergebnisdarstellung anlehnt, wie sie der derzeit üblichen Auswertung von Zellbildern durch einfaches Auszählen der

Gesamtzahl der Zellen entspricht, zeigt Fig. 8. Die mit (30, 31 und 32) bezeichneten Kurven geben das Zellwachstum, d.h. die absolute Anzahl der Zellen in allen Bildfeldern einer Kultur für drei verschiedene Zellkulturen in aufeinanderfolgenden Beobachtungszeiträumen wieder. Für den dargestellten Fall waren die Zellkulturen, zu denen die Graphen (31 und 32) gehören, unterschiedlichen Konzentrationen einer toxischen Substanz ausgesetzt, während der Graph (30) die Entwicklung einer unbehandelten Kontrollkultur darstellt.

Das Verfahren liefert jedoch zusätzlich weit aussagekräftigere Ergebnisse als die integrale Darstellung der absoluten Gesamtzahl der Zellen in den Kulturen. Da die Information über den Generationswechsel aller Zellen abgespeichert ist, lassen sich außerdem für jede beliebige Zelle der Ausgangspopulation Zellstammbäume erstellen, wie dies in den Fig. 9a, 9b dargestellt ist. Fig. 9a zeigt den Zellstammbaum für eine Zelle der unbehandelten Kontrollkultur in zeitgetreuer Darstellung. Dabei geben die waagrecht verlaufenden Streifen, die über den Zellstammbaum (33) gelegt sind, jeweils konstante Zeitabschnitte wieder. Hieraus läßt sich sehr schön erkennen, daß die Zykluszeit zwischen aufeinanderfolgenden Generationen etwa konstant ist und ihr Wert läßt sich leicht überschlagsmäßig bestimmen. Fig. 9b zeigt den Stammbaum einer Zelle der behandelten Kultur. Aus dem Stammbaum (34) läßt sich ablesen, daß im Vergleich zu Fig. 9a weniger Teilungsvorgänge stattgefunden haben und die Zykluszeit für die einzelnen Generationen länger ist.

In Fig. 10a sind die Durchschnittswerte für die Zykluszeit und den Mitoseindex aller Zellen der Kontrollpopulation in ihrem zeitlichen Verhalten, d.h. in aufeinanderfolgenden Zeitintervallen dargestellt. Der Mitoseindex ist die Teilungsrate einer Zellkultur, normiert auf die Gesamtzahl der Zellen, die in dem betreffenden Zeitabschnitt in der Kultur vorliegen.

Diese Größen sind für ungestört wachsende Zellpopulationen im allgemeinen konstant und entsprechend verhalten sich die mit (35 und 36) bezeichneten Graphen in der Darstellung nach Fig. 10a. Für Zellpopulationen, denen toxische Substanzen zugefügt wurden, ergeben sich zunächst höhere Zykluszeiten die wieder kürzer werden, wenn sich die Zellen erholt haben. Der Mitoseindex ist bei behandelten Zellen im Mittel geringer. Dies ist in der Darstellung nach Fig. 9b auch deutlich zu sehen.

Patentansprüche

1. Verfahren zur Auswertung von Zellbildern, wobei mehrere Bilder der gleichen Zellkultur in zeitlicher Folge aufgenommen und in digitaler Form abgespeichert werden, und anschließend aus den Veränderungen in zeitlich aufeinanderfolgenden Digitalbildern statistische Kenngrößen der Zellkultur ermittelt werden, **dadurch gekennzeichnet**, daß
 - jeweils parallel eine Vielzahl verschiedener Bildfelder aufgenommen und digital abgespeichert werden, wobei die Größe der Bildfelder so gewählt ist, daß sich mehrere Einzelzellen in einem Bildfeld befinden,
 - die Digitalbilder ausgewählter Bildfelder in zeitlicher Folge auf einem Bildschirm dargestellt werden,
 - mindestens im ersten Digitalbild (Fig. 2) die verschiedenen Einzelzellen auf dem Bildschirm markiert werden, wobei unterschiedli-

che Zellen bzw. Zellgruppen (20–23) mit verschiedenen Marken versehen und die Positionen der Marken abgespeichert werden,
 — die statistischen Kenngrößen für die verschiedenen Bildfelder bzw. die verschiedenen Marken getrennt ermittelt und abgespeichert werden.

2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß die Zellen nach Zellgenerationen klassifiziert werden und die Anzahl der Zellen in den verschiedenen Zellgenerationen ermittelt und abgespeichert wird.

3. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß die Zellteilungsrate für einzelne Bildfelder oder unterschiedlich markierte Zellen bzw. Gruppen von Zellen ermittelt und abgespeichert wird.

4. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß die Beweglichkeit der einzelnen unterschiedlich markierten Zellen bzw. Gruppen von Zellen ermittelt und abgespeichert wird.

5. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß Zellstammbäume (33, 34) für einzelne Zellen bzw. Generationenfolgen von Zellen gebildet und auf dem Bildschirm dargestellt werden.

6. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß die Aufnahme der verschiedenen Bildfelder mittels eines motorischen Kreuztisches (13) erfolgt, der in mehreren, zeitlich aufeinanderfolgenden Sequenzen jeweils unterschiedliche, aneinander grenzende Bereiche der Zellkultur unter einem Mikroskop (12) positioniert.

7. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß im jeweils nachfolgenden Digitalbild (Fig. 3) die Marken des Vorbildes (Fig. 2) übernommen werden und auftretende Veränderungen durch Verschieben bzw. zusätzliches Setzen von Marken korrigiert werden.

8. Verfahren nach Anspruch 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Ermittlung der Zellpositionen mit Hilfe eines Bildanalysesystems erfolgt.

9. Verfahren nach Anspruch 8, dadurch gekennzeichnet, daß vor Beginn der Auswertung des zeitlich folgenden Digitalbildes dieses gegenüber dem Vorbild so verschoben wird, daß die Summe der Abweichungen der Zellpositionen in beiden Bildern minimal wird.

10. Vorrichtung zur Durchführung des Verfahrens nach einem der Ansprüche 1–9, gekennzeichnet durch

- ein Mikroskop (12) mit einem in mindestens zwei Richtungen (x, y) positionierbaren Objektisch (13),
- einer Fernscheinrichtung (15) zur Aufnahme einer Vielzahl von Videobildern der zu untersuchenden Probe,
- einem grafikfähigen Rechner (1) mit einem Markengenerator zur Erzeugung von Marken unterschiedlichen Typs,
- einem Bildspeicher (5) zur Speicherung einer Vielzahl in regelmäßigen Zeitabständen in aneinandergrenzenden Bildfeldern aufgenommener Videobilder als Digitalbilder,
- einem Monitor (10), auf dem die im Bildspeicher abgelegten Digitalbilder zusammen mit den vom Rechner erzeugten Marken überlagert darstellbar sind,
- einer Einrichtung (8) zur Positionierung der

Marken im Bildfeld und Speicherung der Bildkoordinaten der Marken für die verschiedenen Bilder,

– sowie einem Auswerteprogramm, das aus der Anzahl der verschiedenen Markentypen in den einzelnen Bildern sowie aus den Koordinaten der Marken Kenngrößen für die beobachtete Zellkultur(en) ermittelt.

Hierzu 7 Seite(n) Zeichnungen

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

Fig. 1

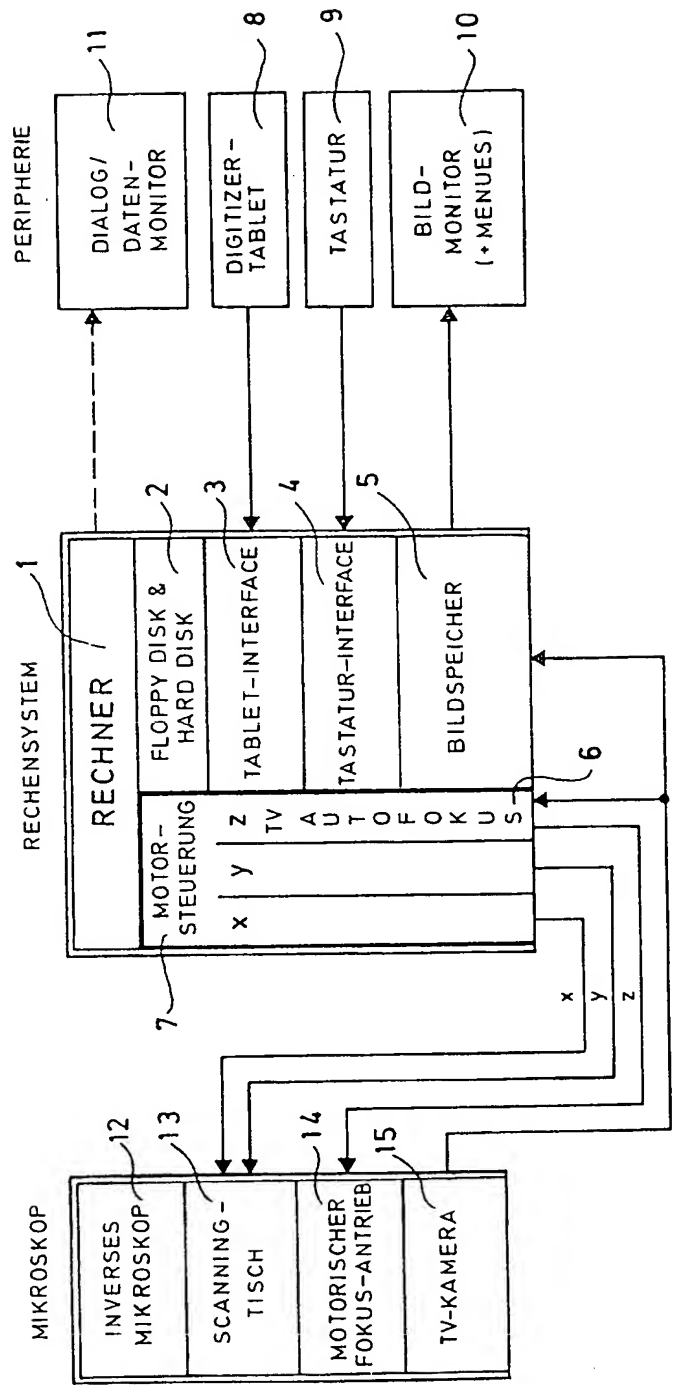


Fig. 2

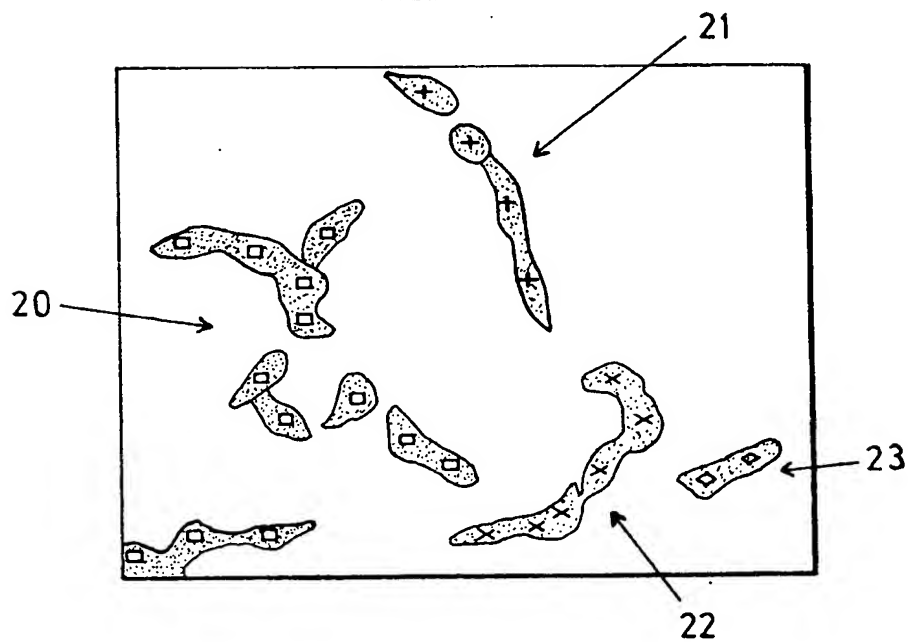


Fig. 3

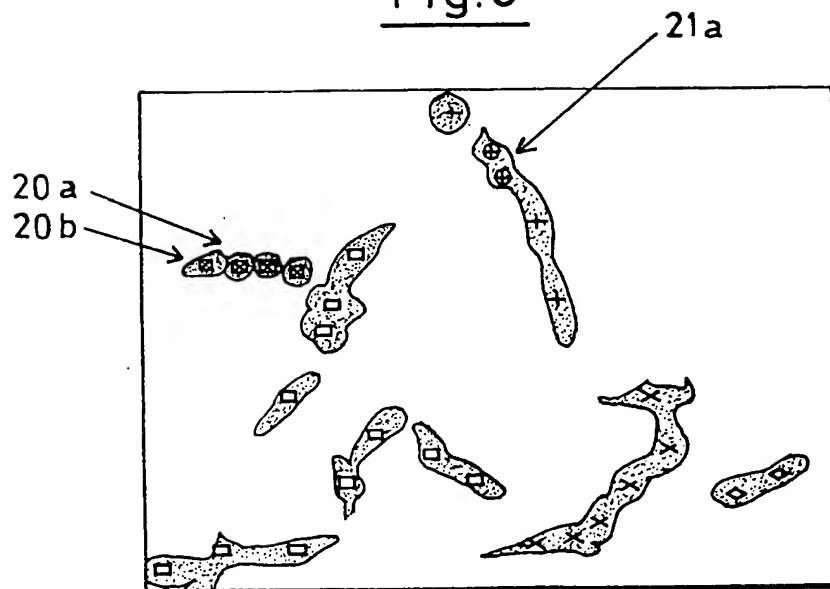


Fig. 4

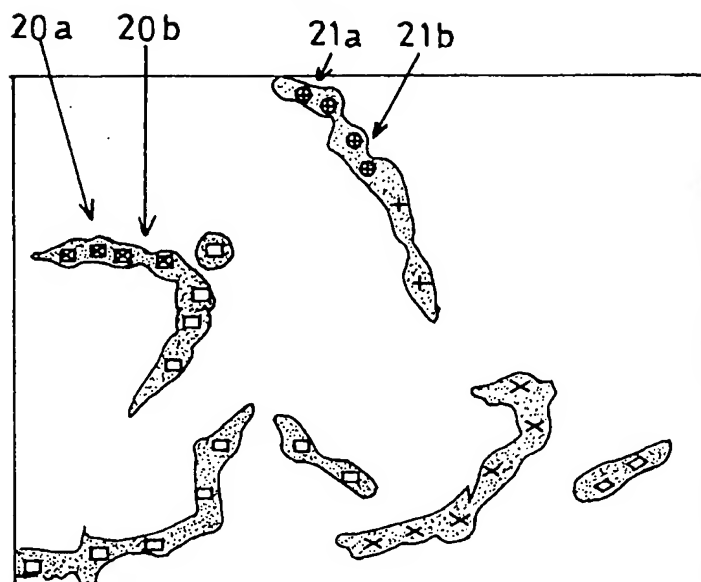


Fig. 5

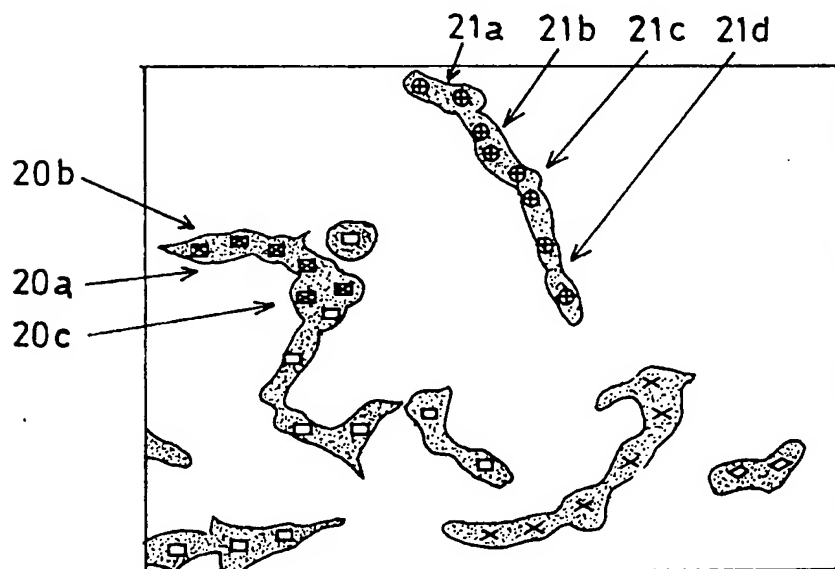


Fig. 6

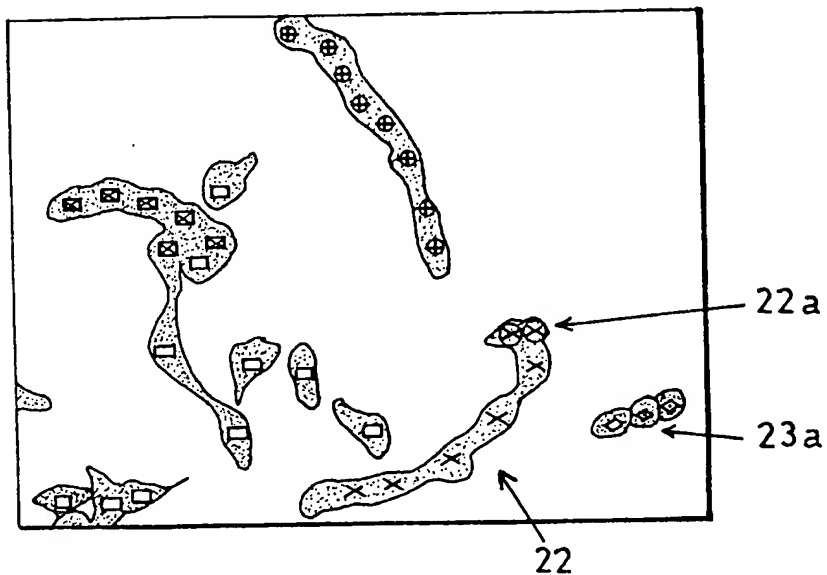


Fig. 7

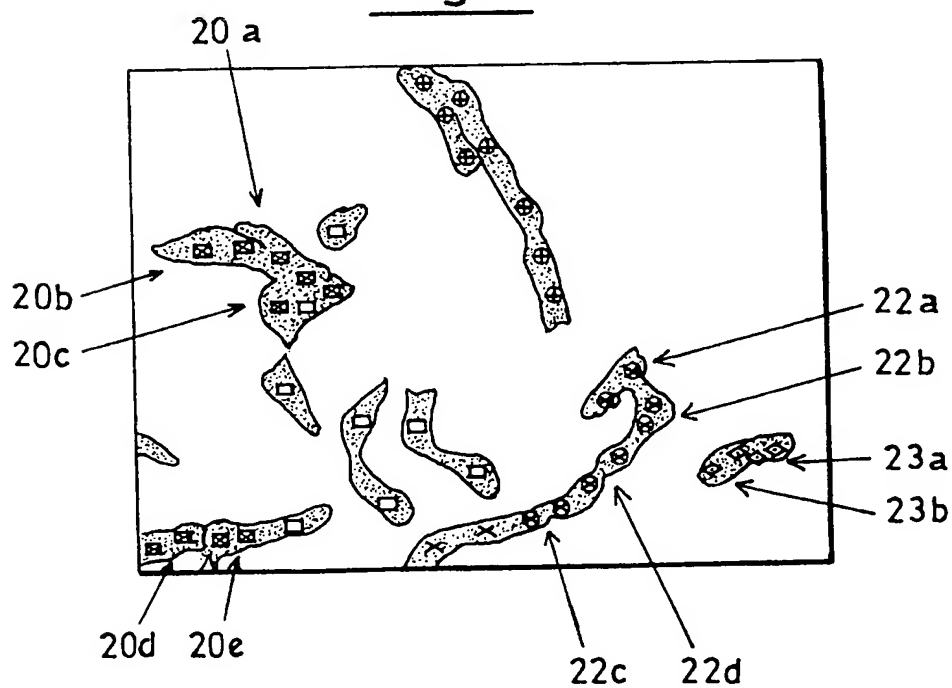


Fig. 8

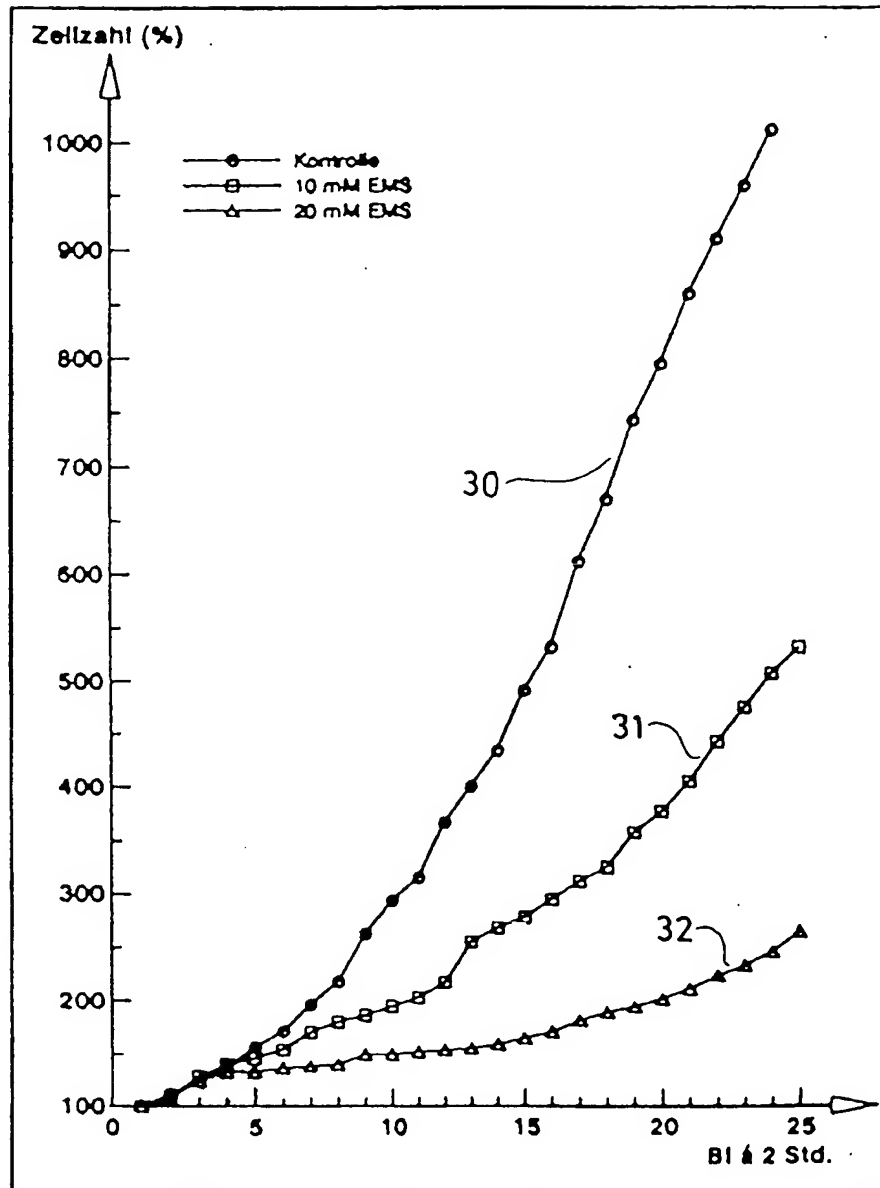


Fig.9a

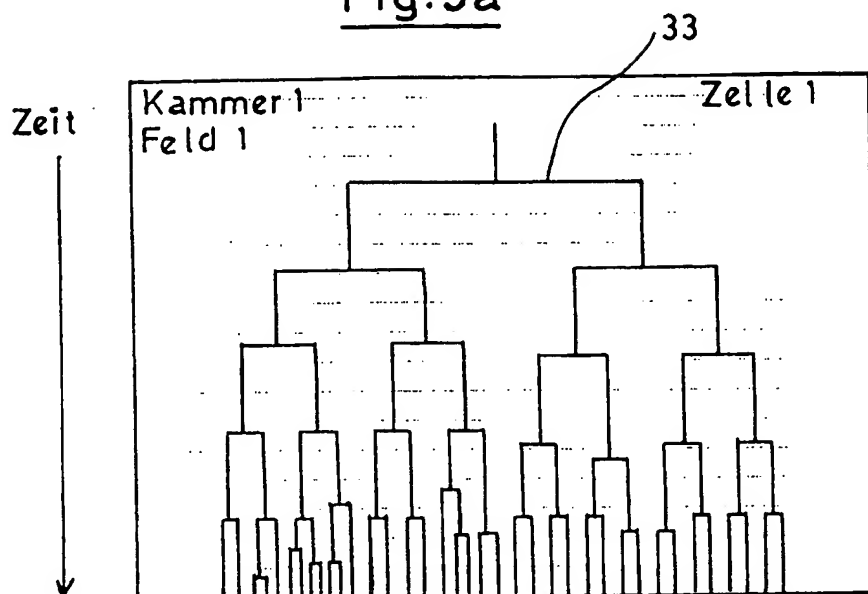


Fig.9b

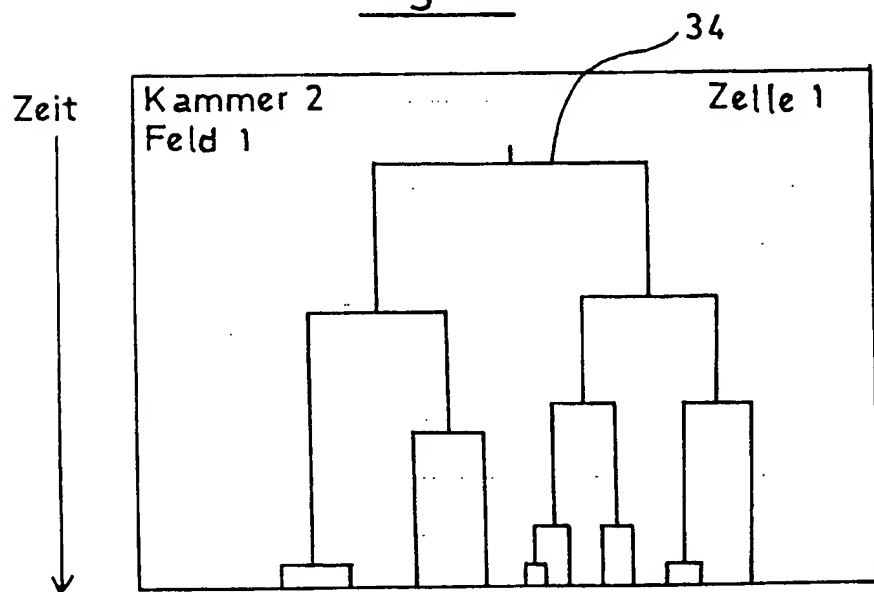


Fig.10a

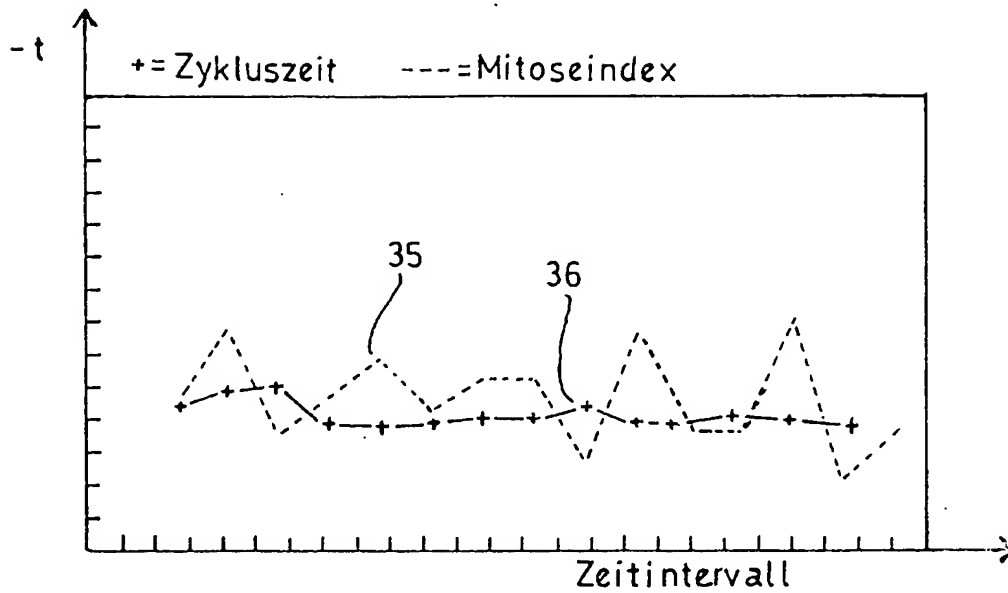


Fig.10b

